

Padova

UNIVERSITÀ

Ricerca, nasce "Argot" Sherlock Holmes del Dna

(F. Cap.) Lo Sherlock Holmes del Dna che aiuta gli scienziati a risparmiare tempo e denaro. Un nuovo metodo per l'annotazione funzionale di genomi, chiamato Argot, è stato sviluppato da un gruppo di giovani ricercatori guidato da Stefano Toppo e composto da Enrico Lavezzo e Marco Falda, tutti appartenenti al Dipartimento di Medicina molecolare dell'Università di Padova diretto dal prof. Giorgio Palù. Il programma è stato portato avanti con l'essenziale collaborazione di Paolo Fontana della Fondazione Edmund Mach di San Michele all'Adige ed è risultato tra i migliori nella competizione internazionale CAFA (Critical Assessment of Function Annotations) di predizione di funzione a cui hanno partecipato i più affermati gruppi di ricerca mondiali. I risultati, nella prestigiosa rivista "Nature Methods", confermano l'Università di Padova ai massimi livelli di competitività internazionale in un'area di ricerca che ha importanti ricadute nella comprensione della funzione delle proteine. «L'affinamento di programmi di predizione di funzione di ultima generazione, come Argot - spiega Toppo - consentirà di acquisire una conoscenza sempre più dettagliata dei meccanismi molecolari dei processi biologici ed aiuterà gli scienziati ad indirizzare meglio i propri esperimenti di laboratorio».



RICERCA: UNIVERSITA' PADOVA, NUOVO METODO PER ANNOTAZIONE GENOMI

10:40 05 FEB 2013

(AGI) - Padova, 6 feb. - Un nuovo metodo per l'annotazione funzionale di genomi, chiamato Argot, e' stato sviluppato da un gruppo di giovani ricercatori guidato da Stefano Toppo e composto dai dottori Enrico Lavezzo e Marco Falda, tutti appartenenti al Dipartimento di Medicina Molecolare dell'Universita' di Padova. I risultati del programma, portato avanti con la collaborazione di Paolo Fontana della fondazione Edmund Mach di San Michele all'Adige, sono stati pubblicati di

recente nella prestigiosa rivista "Nature Methods" e sono stati presentati alla conferenza internazionale ISMB (Intelligent Systems for Molecular Biology), tenutasi a Long Beach - Los Angeles nel luglio 2012. Si tratta, spiega l'universita' di Padova, di un "risultato tra i migliori, a un passo dal primo posto, nella competizione internazionale CAFA (Critical Assessment of Function Annotations) di predizione di funzione a cui hanno partecipato i piu' affermati e noti gruppi di ricerca mondiali". Questo importante riconoscimento pone l'Universita' di Padova ai massimi livelli di competitivita' internazionale in un'area di ricerca di base che ha importanti ricadute nella comprensione della funzione delle proteine. "L'affinamento di programmi di predizione di funzione di ultima generazione, come Argot - spiega Toppo - consentira' di acquisire una conoscenza sempre piu' dettagliata dei meccanismi molecolari dei processi biologici ed aiuterà gli scienziati ad indirizzare meglio i propri esperimenti di laboratorio, permettendo loro di sviluppare teorie ed ipotesi piu' mirate e di abbattere cosi' costi e tempi della ricerca". Le originali idee del nuovo algoritmo Argot si basano su una complessa infrastruttura bioinformatica che sfrutta dei vocabolari strutturati, chiamati ontologie, in grado di definire in modo dettagliato la funzione dei geni e di essere facilmente utilizzati da parte dei calcolatori. In questo modo e' stato possibile sfruttare la potenza dei server attualmente disponibili ed ospitati nella struttura informatica dei laboratori di proteomica di via Orus a Padova, i quali servono anche diverse altre esigenze di analisi di dati che vanno dalla genomica alla spettrometria di massa. Il servizio di predizione di funzione Argot e' liberamente accessibile alla comunita' scientifica come servizio web al sito <http://www.medcomp.medicina.unipd.it/Argot2/>. (AGI) Ve1/Bru

SCIENZA. Risultato di un gruppo di lavoro dell'Università di Padova

Ricerca, nasce Argot investigatore del Dna

L'algoritmo farà risparmiare tempo e denaro

Un nuovo metodo per l'annotazione funzionale di genomi, chiamato Argot, è stato sviluppato da un gruppo di giovani ricercatori dell'università di Padova.

La squadra guidata da Stefano Toppo era composta da Enrico Lavezzo e Marco Falda, tutti appartenenti al Dipartimento di Medicina Molecolare diretto dal professor Giorgio Palù. Il programma è stato portato avanti con l'essenziale collaborazione di Paolo Fontana della Fondazione Edmund Mach di San Michele all'Adige ed è risultato tra i migliori, a un passo dal primo posto, nella competizione internazionale CafA (Critical Assessment of Function Annotations) di predizione di funzione a cui hanno partecipato i più affermati e noti gruppi di ricerca mondiali.

Le originali idee del nuovo algoritmo Argot si basano su una complessa infrastruttura bioinformatica che sfrutta dei vocabolari strutturati, chiamati ontologie, in grado di definire in modo dettagliato la funzione dei geni e di essere facilmente utilizzati da parte dei calcolatori. In questo modo è stato possibile sfruttare la potenza dei server attualmente disponibili ed ospitati nella struttura informatica



La storica sede dell'Università di Padova

dei laboratori di proteomica di via Orus a Padova, i quali servono anche diverse altre esigenze di analisi di dati che vanno dalla genomica alla spettrometria di massa.

I risultati, pubblicati di recente nella rivista Nature Methods, sono stati presentati alla conferenza internazionale Ismb (Intelligent Systems for Molecular Biology), tenutasi a Long Beach - Los Angeles nel luglio 2012. Questo riconoscimento pone l'ateneo di Padova ai massimi livelli di competitività internazionale in un'area di ricerca di ba-

se che ha importanti ricadute nella comprensione della funzione delle proteine.

«L'affinamento di programmi di predizione di funzione di ultima generazione, come Argot - spiega il dottor Toppo - consentirà di acquisire una conoscenza sempre più dettagliata dei meccanismi molecolari dei processi biologici ed aiuterà gli scienziati ad indirizzare meglio i propri esperimenti di laboratorio, permettendo loro di sviluppare teorie ed ipotesi più mirate e di abbattere così costi e tempi della ricerca».



PADOVA. "Argot" investiga il dna

Si chiama "Argot" il nuovo metodo per l'annotazione funzionale di genomi. Il progetto è stato sviluppato da un gruppo di ricercatori dell'università di Padova.



Università di Padova

Via al progetto Argot investigherà il Dna

■ PADOVA - Un nuovo metodo per l'annotazione funzionale di genomi, chiamato Argot, è stato sviluppato da ricercatori dell'università di Padova. Il programma è risultato tra i migliori nella competizione Critical Assessment of Function Annotations a cui hanno partecipato affermati gruppi di ricerca mondiali. Le idee di Argot si basano su una infrastruttura bioinformatica che sfrutta vocabolari strutturati in grado di definire la funzione dei geni e di essere utilizzati da parte dei calcolatori.



Ricerca, nasce Argot per annotazione funzionale genomi

(AIS) Padova, 5 feb 2013 - Un nuovo metodo per l'annotazione funzionale di genomi, chiamato Argot, è stato sviluppato da un gruppo di giovani ricercatori guidato dal dott. Stefano Toppo e composto dai dottori Enrico Lavezzo e Marco Falda, tutti appartenenti al Dipartimento di Medicina Molecolare dell'Università di Padova diretto dal prof. Giorgio Palù. Il programma è stato portato avanti con l'essenziale collaborazione del dott. Paolo Fontana della Fondazione Edmund Mach di San Michele all'Adige ed è risultato tra i migliori, a un passo dal primo posto, nella competizione internazionale CAFA (Critical Assessment of Function Annotations) di predizione di funzione a cui hanno partecipato i più affermati e noti gruppi di ricerca mondiali.

I risultati, pubblicati di recente nella prestigiosa rivista «Nature Methods», sono stati presentati alla conferenza internazionale ISMB (Intelligent Systems for Molecular Biology), tenutasi a Long Beach – Los Angeles nel luglio 2012. Questo importante riconoscimento pone l'Università di Padova ai massimi livelli di competitività internazionale in un'area di ricerca di base che ha importanti ricadute nella comprensione della funzione delle proteine.

«L'affinamento di programmi di predizione di funzione di ultima generazione, come Argot – spiega il dott. Toppo -, consentirà di acquisire una conoscenza sempre più dettagliata dei meccanismi molecolari dei processi biologici ed aiuterà gli scienziati ad indirizzare meglio i propri esperimenti di laboratorio, permettendo loro di sviluppare teorie ed ipotesi più mirate e di abbattere così costi e tempi della ricerca».

Le originali idee del nuovo algoritmo Argot si basano su una complessa infrastruttura bioinformatica che sfrutta dei vocabolari strutturati, chiamati ontologie, in grado di definire in modo dettagliato la funzione dei geni e di essere facilmente utilizzati da parte dei calcolatori. In questo modo è stato possibile sfruttare la potenza dei server attualmente disponibili ed ospitati nella struttura informatica dei laboratori di proteomica di via Orus a Padova, i quali servono anche diverse altre esigenze di analisi di dati che vanno dalla genomica alla spettrometria di massa.

Il servizio di predizione di funzione Argot è liberamente accessibile alla comunità scientifica come servizio web al sito <http://www.medcomp.medicina.unipd.it/Argot2/>.

Creato a Padova Argot, l'algoritmo investigatore del dna

Un nuovo metodo per l'annotazione funzionale di genomi, chiamato Argot, è stato sviluppato da un gruppo di giovani ricercatori dell'università di Padova

PADOVA. Un nuovo metodo per l'annotazione funzionale di genomi, chiamato Argot, è stato sviluppato da un gruppo di giovani ricercatori dell'università di Padova. La squadra guidata da Stefano Toppo era composta da Enrico Lavezzo e Marco Falda, tutti appartenenti al Dipartimento di Medicina Molecolare diretto dal prof. Giorgio Palù. Il programma è stato portato avanti con l'essenziale collaborazione di Paolo Fontana della Fondazione Edmund Mach di San Michele all'Adige ed è risultato tra i migliori, a un passo dal primo posto, nella competizione internazionale Cafa (Critical Assessment of Function Annotations) di predizione di funzione a cui hanno partecipato i più affermati e noti gruppi di ricerca mondiali.

Le originali idee del nuovo algoritmo Argot si basano su una complessa infrastruttura bioinformatica che sfrutta dei vocabolari strutturati, chiamati ontologie, in grado di definire in modo dettagliato la funzione dei geni e di essere facilmente utilizzati da parte dei calcolatori. In questo modo è stato possibile sfruttare la potenza dei server attualmente disponibili ed ospitati nella struttura informatica dei laboratori di proteomica di via Orus a Padova, i quali servono anche diverse altre esigenze di analisi di dati che vanno dalla genomica alla spettrometria di massa. I risultati, pubblicati di recente nell'rivista Nature Methods, sono stati presentati alla conferenza internazionale Ismb (Intelligent Systems for Molecular Biology), tenutasi a Long Beach - Los Angeles nel luglio 2012.

Questo riconoscimento pone l'ateneo di Padova ai massimi livelli di competitività internazionale in un'area di ricerca di base che ha importanti ricadute nella comprensione della funzione delle proteine. «L'affinamento di programmi di predizione di funzione di ultima generazione, come Argot - spiega il dott. Toppo -, consentirà di acquisire una conoscenza sempre più dettagliata dei meccanismi molecolari dei processi biologici ed aiuterà gli scienziati ad indirizzare meglio i propri esperimenti di laboratorio, permettendo loro di sviluppare teorie ed ipotesi più mirate e di abbattere così costi e tempi della ricerca».

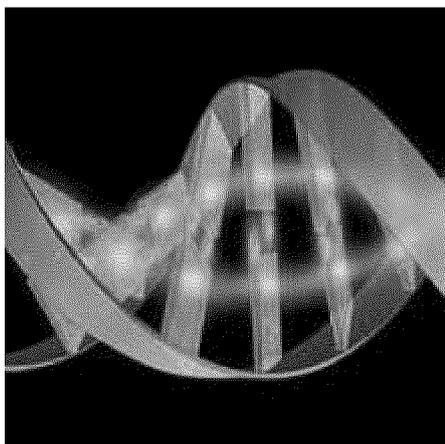
05 febbraio 2013

PadovaOggi » Cronaca

Argot, scoperta dell'Ateneo di Padova per abbattere costi e tempi di ricerca

Il nuovo algoritmo è in grado di definire in modo dettagliato la funzione dei geni ed è facilmente utilizzabile da parte dei calcolatori. La squadra di ricercatori appartiene al dipartimento di Medicina molecolare

di Redazione - 5 febbraio 2013



"Aiuterà gli scienziati ad indirizzare meglio i propri esperimenti di laboratorio, permettendo loro di sviluppare teorie ed ipotesi più mirate e di **abbattere così costi e tempi della ricerca**". Così il dottor Stefano Toppo spiega in termini concreti i vantaggi del nuovo **algoritmo "Argot"**, messo a punto dal suo team di giovani ricercatori composto dai dottori Enrico Lavezzo e Marco Falda, tutti appartenenti al dipartimento di Medicina molecolare diretto dal professor Giorgio Palù dell'**Università di Padova**.

LA SCOPERTA. Argot si basa su una complessa infrastruttura bioinformatica che sfrutta dei vocabolari strutturati, chiamati ontologie, in grado di definire in modo dettagliato la funzione dei geni e di essere facilmente utilizzati da parte dei calcolatori. In

questo modo è stato possibile sfruttare la potenza dei server attualmente disponibili ed ospitati nei laboratori di proteomica di via Orus a Padova. "L'affinamento di programmi di predizione di funzione di ultima generazione, come Argot - spiega il dottor Toppo - consentirà di acquisire una conoscenza sempre più dettagliata dei meccanismi molecolari dei processi biologici ed aiuterà gli scienziati ad indirizzare meglio i propri esperimenti di laboratorio".

RICERCA PADOVANA AL TOP. Il progetto, realizzato in collaborazione con il dottor Paolo Fontana della fondazione Edmund Mach di San Michele all'Adige, è risultato tra i migliori, a un passo dal primo posto, nella competizione internazionale Cafa (Critical Assessment of Function Annotations) di predizione di funzione a cui hanno partecipato i più affermati e noti gruppi di ricerca mondiali. I risultati, pubblicati di recente nella rivista Nature Methods, sono stati presentati alla conferenza internazionale Ismb (Intelligent Systems for Molecular Biology), tenutasi a Long Beach - Los Angeles nel luglio 2012. Questo riconoscimento pone l'ateneo di Padova ai massimi livelli di competitività internazionale in un'area di ricerca di base che ha importanti ricadute nella comprensione della funzione delle proteine.

Veneto

Ricerca: nasce 'Argot' investighera' Dna

Aiutera' gli scienziati a risparmiare tempo e denaro

05 febbraio, 12:24



(ANSA) - PADOVA, 5 FEB - Un nuovo metodo per l'annotazione funzionale di genomi, chiamato Argot, e' stato sviluppato da ricercatori dell'universita' di Padova.

Il programma e' risultato tra i migliori nella competizione Critical Assessment of Function Annotations a cui hanno partecipato affermati gruppi di ricerca mondiali. Le idee di Argot si basano su una infrastruttura bioinformatica che sfrutta vocabolari strutturati in grado di definire la funzione dei geni e di essere utilizzati da parte dei calcolatori.

Ecco Argot, il nuovo algoritmo italiano per investigare il Dna

Un metodo per l'annotazione funzionale di genomi sviluppato all'università di Padova aiuterà gli scienziati ad indirizzare meglio i propri esperimenti, facilitando teorie ed ipotesi più mirate e abbattendo costi e tempi della ricerca



ECCO Argot, un nuovo metodo per l'annotazione funzionale di genomi, che velocizzerà le indagini del Dna. L'algoritmo è stato sviluppato da un gruppo di giovani ricercatori dell'università di Padova, guidati dal dottor Stefano Toppo all'interno del Dipartimento di Medicina Molecolare diretto dal professor Giorgio Palù. Il programma è stato portato avanti con l'essenziale collaborazione del dottor Paolo Fontana della Fondazione Edmund Mach di San Michele all'Adige ed è risultato tra i migliori, a un passo dal primo posto, nella competizione internazionale Cafa (Critical Assessment of Function Annotations) di predizione di funzione a cui hanno partecipato i più affermati e noti gruppi di ricerca mondiali.

Le originali idee del nuovo algoritmo Argot si basano su una complessa infrastruttura bioinformatica che sfrutta dei vocabolari strutturati, chiamati ontologie, in grado di definire in modo dettagliato la funzione dei geni e di essere facilmente utilizzati da parte dei calcolatori. In questo modo è stato possibile sfruttare la potenza dei server attualmente disponibili ed ospitati nella struttura informatica dei laboratori di proteomica a Padova, che servono anche diverse altre esigenze di analisi di dati che vanno dalla genomica alla spettrometria di massa.

I risultati, pubblicati di recente su *Nature Methods*, sono stati presentati alla conferenza internazionale Ismb (Intelligent Systems for Molecular Biology), tenutasi a Long Beach, Los Angeles nel luglio 2012.

"L'affinamento di programmi di predizione di funzione di ultima generazione, come Argot", spiega il dottor Toppo, "consentirà di acquisire una conoscenza sempre più dettagliata dei meccanismi molecolari dei processi biologici ed aiuterà gli scienziati ad indirizzare meglio i propri esperimenti di laboratorio, permettendo loro di sviluppare teorie ed ipotesi più mirate e di abbattere così costi e tempi della ricerca".

(05 febbraio 2013)

© RIPRODUZIONE RISERVATA

Ecco Argot, il nuovo algoritmo italiano per investigare il Dna

 Da Repubblica.it il 05/02/2013

Un metodo per l'annotazione funzionale di genomi sviluppato all'università di Padova aiuterà gli scienziati ad indirizzare meglio i propri esperimenti, facilitando teorie ed ipotesi più mirate e abbattendo costi e tempi della ricerca

martedì 05.02.2013

VENETO

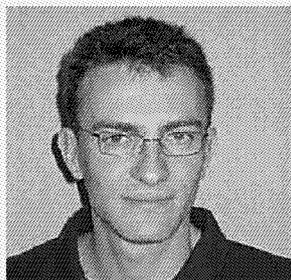
Nasce Argot e studierà il Dna. Viene dalla Università di Padova

Martedì, 5 febbraio 2013 - 13:29:00

Un nuovo metodo per l'annotazione funzionale di genomi, chiamato **Argot**, è stato sviluppato da **ricercatori dell'università di Padova**. Il programma è risultato tra i migliori nella competizione Critical Assessment of Function Annotations a cui hanno partecipato affermati gruppi di ricerca mondiali.

Le idee di **Argot** si basano su una infrastruttura bioinformatica che sfrutta vocabolari strutturati in grado di definire la funzione dei geni e di essere utilizzati da parte dei calcolatori.

È nato Argot l'algoritmo del Dna «Abatterà i costi»



Un gruppo di giovani ricercatori dell'università di Padova ha sviluppato Argot, un nuovo metodo per l'annotazione funzionale di genomi. La squadra guidata da Stefano Toppo (foto) è composta da Enrico Lavezzo e Marco Falda, tutti appartenenti al Dipartimento di Medicina Molecolare diretto dal prof. Giorgio Palù. Il programma, portato avanti con la collaborazione di Paolo Fontana della Fondazione Edmund Mach, è risultato tra i migliori nella competizione internazionale Cafa (Critical Assessment of Function Annotations) di predizione di funzione, a cui hanno partecipato i più affermati e gruppi di ricerca mondiali. Le idee del nuovo algoritmo Argot si basano su una complessa infrastruttura bioinformatica che sfrutta dei vocabolari strutturati, chiamati ontologie, in grado di definire in modo dettagliato la funzione dei geni e di essere facilmente utilizzati da parte dei calcolatori. «L'affinamento di programmi di predizione di funzione di ultima generazione, come Argot», spiega Toppo. «Consentirà di acquisire una conoscenza sempre più dettagliata dei meccanismi molecolari dei processi biologici e aiuterà gli scienziati a indirizzare meglio gli esperimenti di laboratorio, permettendo loro di sviluppare teorie più mirate e abbattere costi e tempi della ricerca.»

